

Sumbangan Ilmu Genetika Populer untuk Penelitian Nyamuk sebagai Vektor Penyakit

Oleh Supratman Sukowati
Puslit Ekologi Kesehatan, Badan Litbangkes

Abstrak.

Studi genetika populasi telah banyak memberikan sumbangan yang berarti dalam penelitian nyamuk sebagai vektor penyakit, terutama untuk menentukan adanya spesies sibling. Analisa struktur genetika populasi vektor dimungkinkan dengan menggunakan data genetika: sitogenetika dan biokimia (elektroforesis, DNA dan imunologi). Identifikasi spesies secara benar dan pengetahuan yang rinci tentang genetika vektor merupakan awal dalam memahami ko-evolusi antara host-vektor-parasit, bioekologi dan dinamika populasi serta hubungan dengan lingkungan. Dengan pemahaman berbagai aspek spesies vektor, maka akan memberikan peluang untuk menggunakan implikasi variasi genetika dalam mengembangkan strategi pengendalian vektor secara sangkil dan mangkus. Meskipun studi tersebut bermanfaat untuk menyokong penelitian vektor, namun masih belum banyak dilakukan di Asia Tenggara termasuk Indonesia. Oleh karena itu sudah waktunya para ilmuwan yang bekerja di bidang penelitian vektor penyakit untuk mulai memberikan perhatian dan menggunakan prinsip genetika populasi agar lebih mampu dalam memahami perubahan-perubahan populasi yang dihasilkan oleh adanya faktor-faktor genetika dan lingkungan.

PENDAHULUAN

Penyakit yang ditularkan oleh vektor terutama nyamuk seperti malaria, filariasis, dan demam berdarah dengue (DBD) masih merupakan masalah kesehatan masyarakat di Indonesia. Salah satu cara pemberantasan penyakit tersebut adalah dengan memutus

rantai penularan yaitu dengan pengendalian vektor. Penyakit yang ditularkan oleh vektor tersebut sampai sekarang masih belum dapat dikendalikan secara baik, hal ini mungkin disebabkan oleh karena strategi pengendalian yang digunakan belum tepat, sehingga harus disempurnakan. Sebagai dasar untuk menentukan strategi pengendalian vektor secara

sangkal (efektif) dan mangkus (efisien) adalah pemahaman tentang spesies, habitat, bio-ekologi dan perannya sebagai vektor secara rinci (Sukowati, 1987).

Indonesia yang terletak di daerah tropika dan merupakan daerah kepulauan yang terbentang luas di antara benua Asia dan Australia mempunyai flora dan fauna yang sangat beragam. Keragaman fauna termasuk nyamuk, telah menimbulkan permasalahan yang ditimbulkan oleh vektor penyakit yang menjadi rumit; jumlah spesies vektor menjadi banyak, daerah penyebaran tiap spesies berbeda, habitat beragam, bio-ekologi dan perannya sebagai vektor untuk tiap daerah penyebaran berbeda-beda. Dengan adanya keragaman dan perbedaan tersebut, maka strategi pengendalian untuk tiap spesies vektor di tiap daerah penyebaran ada kemungkinan harus berlainan, oleh karena itu untuk menentukan strategi pengendalian yang tepat diperlukan penelitian yang rinci untuk tiap spesies vektor yang akan dikendalikan.

Sejalan dengan kemajuan ilmu dan teknologi, pada dwi dasa warsa terakhir ini telah banyak dicapai kemajuan tentang penelitian biologi termasuk penelitian vektor penyakit dengan memanfaatkan sumbangan ilmu genetika populasi. Teknik-teknik dasar yang digunakan untuk penelitian genetika populasi seperti: ilmu genetika, sitogenetika, sistematik molekuler (elektroforesis, DNA), telah banyak memberikan sumbangan yang berarti dalam penelitian vektor penyakit, terutama nyamuk. Teknik tersebut telah banyak memberikan sumbangan dalam menentukan adanya spesies sibling, yang dengan cara klasik menggunakan ciri-ciri morfologi tidak mungkin dapat dibedakan (French dan Kitzmiller, 1963; Davidson et al., 1970; Coluzzi dan Kitzmiller, 1975; Coluzzi et al., 1979; Green and Miles, 1980). Identifikasi spesies vektor secara benar akan sangat membantu dalam mempelajari

penyebaran vektor, kerentanan terhadap parasit, kerentanan terhadap pestisida dan bio-ekologi vektor secara baik.

PRINSIP DASAR GENETIKA POPULASI

Unit dasar yang dipelajari pada genetika populasi dapat merupakan populasi lokal, atau yang lebih besar sebagai populasi dari spesies organisme. Cakupannya termasuk variasi yang diwariskan dari populasi dan perubahannya dalam ruang dan waktu, serta membahas tentang frekuensi gena, dinamika frekuensi gena yang dihasilkan oleh adanya mutasi, seleksi, isolasi dan "random genetika drift" (Merrel, 1981). Hal ini merupakan penerapan prinsip-prinsip hukum Mendel dalam menganalisa struktur genetika populasi atau analisa populasi dengan terminologi genetika. Bahasan genetika populasi termasuk variasi di dalam populasi dan hubungannya dengan adaptasi organisme dengan lingkungannya (Yong, 1988).

Genetika populasi menyediakan model dan alat analisa untuk mengukur dan menentukan struktur genetika populasi secara kuantitatif. Bahasannya tidak hanya terbatas pada individu dan kombinasi allele serta tipe/struktur kromosom, tetapi unit populasi dan kombinasi informasi di dalam "gene pool".

Susunan genetika suatu populasi dapat beragam dari satu populasi dengan lainnya, atau dari generasi ke generasi. Populasi yang berbeda dari suatu spesies dimungkinkan berbeda dalam tingkat evolusinya, yang diakibatkan oleh adanya adaptasi terhadap lingkungan, isolasi dan atau seleksi. Dengan adanya faktor-faktor tersebut, maka populasi yang mengalami isolasi geografi dapat mengakibatkan variasi morfologi tanpa isolasi reproduksi, atau dapat mengalami isolasi reproduksi sehingga memungkinkan timbulnya spesies baru yang mempunyai ciri-ciri

morfologi tidak berbeda. Spesies-spesies yang secara morfologi tidak dapat dibedakan, namun mengalami isolasi reproduksi dikenal sebagai spesies sibling (Mayr, 1942), spesies kriptik (Walker, 1964) atau spesies isomorfi (May dkk., 1977).

Keadaan demikian akan menyulitkan para ahli taksonomi yang menggunakan ciri-ciri morfologi sebagai dasar identifikasi. Sebelum tiga dasawarsa terakhir ini, para ahli taksonomi biasanya mengenal spesies hanya dari ciri-ciri morfologi yang dikenal dengan alpha taksonomi. Kemudian Mayr (1942) mengemukakan definisi tentang spesies sebagai "group of actually or potentially inbreeding populations reproductively isolated from other groups". Dan Dobzhansky (1950) memberikan definisi tentang spesies sebagai "the largest and most inclusive... reproductive community of sexual and cross-fertilizing individuals which share a common gene pool". Pendapat tersebut menekankan pada arti penting dari sifat-sifat biologi spesies, isolasi reproduksi dan komunitas "gene pool", yang biasanya dinamakan sebagai spesies biologi (Mayr, 1963). Kesulitan identifikasi spesies biologi terjadi bilamana mereka terdapat di daerah yang sama, dikenal sebagai spesies simpatrik, untuk menyelesaikan masalah ini digunakan studi genetika populasi.

Teknik-teknik modern seperti genetika, sitogenetika, biokimia, bio-ekologi memungkinkan untuk pemeriksaan populasi alam berdasarkan sifat-sifat genetika dan hukum Mendel. Ciri-ciri genetika menyediakan tanda untuk menelusuri kelompok-kelompok yang mempunyai hubungan keluarga yang dekat. Cara-cara tersebut telah banyak bermanfaat untuk menemukan spesies sibling pada banyak spesies serangga termasuk nyamuk yang mempunyai arti penting di bidang kesehatan (Kitzmilller, 1976). Pada akhir-akhir ini telah banyak studi yang menemukan adanya bebe-

rapa spesies nyamuk anopheles membentuk kompleks spesies isomorfi, yang telah banyak membantu dalam menerangkan dan memahami transmisi malaria; seperti kejadian "anopheline without mslsria" dan menentukan strategi pengendalian vektor malaria secara tepat.

RELEVANSI

Penelitian genetika vektor penyakit merupakan dasar yang penting untuk mempelajari epidemiologi dan menentukan strategi pengendalian yang sangkil dan mangkus dari penyakit yang ditularkannya. Identifikasi spesies sibling dapat dilakukan dengan pendekatan genetika populasi. Identifikasi spesies tidak hanya penting di bidang biologi, tetapi banyak memberikan arti penting untuk menentukan cara pengendalian vektor. Tanpa mengetahui secara tepat dan benar spesies yang berperan sebagai vektor, maka akan sulit untuk dapat memahami bio-okologinya, sehingga secara strategi pengendaliannya mungkin tidak dapat dilakukan dengan baik.

Dalam pertemuan yang diselenggarakan oleh WHO dari kelompok "Vektor Ecology and Behavior" pada tahun 1978 dikeluarkan pernyataan bahwa: The more is known about genetics of spesies the better will be the understanding of its ecology, behavior and as vector". Pengetahuan yang mendalam tentang genetika vektor merupakan landasan untuk mengembangkan strategi pengendaliannya dan kaitannya dengan ko-evolusi antara hospes-parasit-vektor.

Beberapa aspek genetika dapat berperan langsung atau tidak langsung dalam pencegahan dan pengendalian vektor, seperti sitogenetika, genetika ekologi, genetika perilaku, genetika kerentanan vektor terhadap parasit, genetika resistensi, dan cara-cara pengembangan pengendalian secara genetika.

SPESIES SIBLING VEKTOR.

Spesies sibling secara morfologi tidak dapat dibedakan dengan mudah, bilamana ada perbedaan mungkin sangat kecil sehingga dapat dianalisa dengan bantuan statistik dan subyek variasinya perbedaan intraspesifik atau geografi. Anggota spesies sibling hanya dapat dibedakan dengan kriteria biologi seperti: habitat, perilaku/bio-ekologi; kriteria genetika: persilangan, sitogenetika dan biokimia. Relevansi penemuan kompleks spesies sibling adalah untuk membantu dalam memahami epidemiologi transmisi penyakit dan pengembangan strategi pengendalian vektor. Beberapa vektor malaria telah diketahui sebagai spesies sibling, di antaranya adalah: kompleks spesies *An. maculatus* di Eropa (Stegnii & Kabanova, 1978) dan kompleks *An. gambiae* di Afrika (Paterson, 1963; Coluzzi & Sabatini, 1967; Davidson et al., 1967). Penemuan spesies kompleks di Asia adalah spesies sibling dari takson *An. culicifacies* di India (Green dan Miles, 1980; Subbarao et al., 1983), dan spesies sibling dari takson *An. balabacensis* di Asia Tenggara terutama Thailand (Baimai et al., 1981, 1984), telah memberikan sumbangan yang berarti terhadap pemahaman epidemiologi dan strategi pengendalian malaria di negara-negara tersebut.

Tujuh anggota spesies sibling nyamuk *An. maculipennis* dibedakan dari ciri bio-ekologi, polimorfisme telur, hasil persilangan dan ciri kromosom (Kitzmilller et al., 1967). Kemudian vektor malaria di Afrika, *An. gambiae* yang sebelumnya hanya dikenali sebagai spesies tunggal yang heterogen dalam ekofenotipik dan bionomi serta efisiensinya sebagai vektor, sekarang diketahui terdiri dari 6 spesies sibling yang mempunyai habitat dan bioekologi yang berbeda. Dua anggota sibling mempunyai habitat air payau, disebut sebagai *An. melas*

dan *An. merus*, dan empat anggota yang lain mempunyai habitat air tawar disebut sebagai spesies sibling A, B, C, dan D. Kemudian White menggunakan tata nama baru sebagai *An. gambiae* (Giles, 1920) untuk spesies A; *An. arabiensis* (Patton, 1905) untuk spesies B; *An. quadrimaculatus* (Theobald, 1911) untuk spesies C, sedangkan spesies D belum ada nama lain yang sesuai (Haridi, 1985).

Vektor malaria utama di Thailand *An. dirus* diketahui terdiri dari paling sedikit 7 spesies isomorphi yaitu spesies A, B, C, D, E, F, dan *An. takasagoensis*. Spesies tersebut telah dapat diidentifikasi berdasarkan perbedaan pola heterokromatin kromosom kelamin dan politene kromosom (Baimai, 1988), pola isoenzyme (Sucharit et al., 1983) dan DNA probe (Danyim et al., 1988). Anggota dari kompleks spesies tersebut mempunyai daerah penyebaran geografi yang berbeda.

Nyamuk *An. culicifacies* yang berperan sebagai vektor malaria di India, Pakistan dan Srilangka, telah ditemukan terdiri dari tiga spesies biologi, yaitu spesies A, B, dan C. Perbedaan anggota spesies sibling tersebut terdapat pada struktur inversi kromosom, yaitu adanya inversi parasentrik dan tidak ditemukannya inversi heterozygot di dalam populasi yang sama (Green dan Miles, 1980 dan Subbarao et al., 1983).

Beberapa spesies vektor yang juga telah diketahui merupakan kompleks spesies adalah *An. maculatus* di Thailand (Green et al., 1985), *An. leucosphyrus* di Asia Tenggara (Baimai et al., 1988), *An. aconitus* di Indonesia (Sukowati, 1987), *An. subpictus* di India (Suguna, 1982) dan *An. farauti* serta *An. punctulatus* di Australia dan Papua Nugini (Bryan, 1985).

DAFTAR KEPUSTAKAAN

1. Baimai, V., B.A. Harrison, L. Somchit, (1981). Karyotype differentiation of three anopheline taxa in the balabacensis complex of South-East Asia (Diptera: Culicidae): *Genetica*, 57: 81-86.
2. ———, R.G. Andre and B.A. Harrison, (1984). Heterochromatin variation in the sex chromosome in Thailand population of *Anopheles dirus* (Diptera: Culicidae). *Can. J. Genet. Cytol.*, 26: 633.
3. ———, (1988). Population cytogenetics of the malaria vector *Anopheles leucosuphyrus* Group. Southeast Asia. *J. Trop. Med. Pub. Hlth.*, 19: 667-680.
4. Bryan, J. (1985). Review of the current situation regarding malaria vector species complexes and intraspecific variation in the following geographical areas: 5. Western Pacific. TDR/Fieldmal/Bangkok/WP/85.4: 55-60
5. Coluzzi, M. and A. Sabatini, (1967). Cytogenetic observation on species A and B of the *Anopheles gambiae* Complex. *Parasitologia* 9: 73-88.
6. ———, ———, V. Petrarca and M.A. Deco., (1970). Chromosomal differentiation and adaptation to human environments in the *Anopheles gambiae* complex. *Trans. Roy. Soc. Trop. Med. Hyg.*, 73: 483-4497.
7. Davidson, G.; H.E. Paterson; M. Coluzzi; G.F. Mason and D.W. Micks (1967). The *Anopheles gambiae* complex. In: *Genetics of Insect Vectors of Disease*. (J.W. Wright and R. Pal. eds). Elsevier, Amsterdam, pp 211-250.
8. ———, J.A. Odetoynbo; B. Colusaa and J. Coz., (1970). A field atennnd to asses the mating competitiveness of sterile males produced by crossing two member species of the *Anopheles gambiae* complex. *Bull. Wld. Hlth. Org.*, 42: 55-67.
9. Dobzhasky, T., (1950). *Evaluation in the Tropics*. *Am. Scient.*, 38: 209-221.
10. French, W.L. and J.B. Kitzmiller, (1963). Test for multiple fertilization in *Anopheles quadrimaculatus*. *Proc. N.J. Mosq. Exter. Assoc.*, 50: 374-380.
11. Green, C.A. and S.J. Miles, (1980). Chromosomal evidence for sibling species of the malaria vector *Anopheles* (Cellia) *Culicifaciles*. *Giles. J. Trop. Med. Hyg.*, 83: 75-78.
12. Green, C.A.; V. Baimai; B.A. Harrison and R.G. Andre, (1985). Cytogenetic evidence for a complex of species within the taxon *Anopheles maculatus* (Diptera: culicidae). *Biolo. J. Linn. Soc.*, 24: 21.
13. Haridi, A.M., (1985). Review of the current situation regarding malaria vector species complexes and intraspecific variation in the following areas 1. Sub-Saharan Africa. TDR/Fieldmal/Bangkok/WP/85.4: 13-23.
14. Yong, H.S., (1988). Principles and scope of population genetics in the study of vector mosquitos Southeast Asian *J. Trop. Med. Pub. Hlth.*, 19: 657-659.
15. Kitzmiller, J.B., G. Frizzi and R.H. Baker, (1967). Evolution and speciation within the *Anopheles amculipennis* complex of the genus *Anopheles* In: *genetics of Insect of Disease*. Elsevier. Amsterdam.
16. (1976). *Genetics, Cytogenetics and evolution of mosquitoes*. *Adv. Genet.*, 18: 316-433.
17. Mayr, E., (1942). *Systematics and the origin of species*. Columbia Univ. Press. New York, 334 pp.
18. (1963). *Animal species evolution*. London, Oxford. Univ. Press. Cambridge, 797 pp.
19. May, B.; L.S. Bauer; R.L. Vadas; J. Granett, (1977). Biochemical genetics variation in the family Simuliidae: electrophoretic identification of human bites in the isomorphic *Simulium jenningsi* group. *Ann. Entomol. Soc. Amer.*, 70: 637-640.
20. Merrel, D.J., (1981). *Ecological genetics*. University of Minnesota Press. Minneapolis, 500 pp.
21. Panyim, S.; S. Yasonthorn Srikul; S. Tungpradubkul, V. Baimai; R. Roenberg; R.G. Andre and C.A. Green, (1988). Identification of isomorphic malaria vector using a DNA probe. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 38: 47.

Bersambung ke halaman 16

lingkungan. Dari keempat cara tersebut yang dirasa efektif untuk mendapat dukungan lintas sektoral adalah dengan cara PSN.

Pelaksanaan PSN memang membutuhkan waktu yang agak lama, karena memerlukan peran aktif masyarakat akan tetapi keberhasilan dari upaya ini cukup besar dalam rangka penurunan angka penyakit DBD.

VIII. KEPUSTAKAAN

1. Aminah, Nunik S. dan Sukirno, Mardjan (1985). *Pengaruh IGR Triflumuron (OMS-2015) terhadap perkembangan larva Aedes aegypti di laboratorium*. Seminar Parasitologi Nasional IV dan Kongres P4I ke-3 di Yogyakarta.
2. Kasnodihardjo (1989), *Studi Pengembangan Design Tempat Penampungan Air Hujan Yang Mosquito-proof Untuk Mencegah Demam Berdarah Dengue di Kodya Pontianak, Kalimantan Barat*, Badan Litbangkes Dep. Kes. (Laporan penelitian, belum diterbitkan).
3. Nelson, MJ. et al., (1976), *Seasonal Abundance Of Adult And Immature Aedes aegypti in Jakarta*. Bulletin of Health Studies in Indonesia 4 (1&2) : p.1.
4. Sumengen (1989). *Studi Peningkatan Kualitas Lingkungan Dalam Rangka Pemberantasan Demam Berdarah di Kodya Sukabumi, Propinsi Jawa Barat*, Badan Litbangkes, DepKes. (Laporan penelitian, belum diterbitkan).
5. Survai Entomologi Demam Berdarah Dengue, (1990), Ditjen P2M & PLP, Depkes.
6. Sugeng Yuwono M. (1988). *Pengaruh Perubahan Lingkungan Fisik Terhadap Penetasan Telur Nyamuk Aedes aegypti*. Berkl. Kedokteran Masyarakat, 4 : 6.
7. Soekirno, M. dan Aminah, Nunik. S (1985). *Efektivitas IGR Triflumuron (OMS-2015) terhadap larva Aedes aegypti di Tanjung Priok, Jakarta*. Seminar Parasitologi Nasional IV dan Kongres P4I ke -3, Yogyakarta.
8. Usman, S. et al. (1985). *A Field Trial Of Bendiocarb (OMS-1394) As A Space Againts Aedes aegypti Near Jakarta, Indonesia*, Majalah Ilmu dan Budaya, Th. VII, No. 4 halaman 248-254.
9. Soeroro Thomas (1987). *Pemberantasan Demam Berdarah Perlu Usaha Terpadu*, Majalah Kesehatan Masyarakat Indonesia, 17 (1)

Sumbangan Ilmu.....

Sambungan dari hal 8

22. Paterson, H.E., (1963). *The species, species control and antimalarial campaigns. Implication of recent work on the Anophels gambiae complex*. S. Afr. J. Med. Sci., 28: 33-44.
23. Stegnit, V.N. and V.P. Kabanova, (1978). *Cytological study of indigenous population of the malaria mosquito in the territory of the USSR I. Identification new species of Anopheles in the maculipennis complex by the cytodiagnostic method*. Mosq. Syst., 10: 1-12.
24. Subbarao Sarala, K.; K. Vasantha; T. Adak and V.P. Sharma, (1983). *Anopheles culicifacies complex. Evidence for a new sibling species*. Species C. Ann. Entomol. Soc. Amer., 76: 985-988.
25. Sucharit, S.; W. Choochote; N. Pratchyausorn; N.S. Limsuw; C. Aphiwatanasorn; T. Kanda, (1983). *Esterase patterns of Anopheles dirus (Perlis form) in the laboratory*. Southern Asian. J. Trop. Med. Pub. Hlth., 14: 127.
26. Suguna, S.G. *Cytological and morphological evidence for sibling species in Anopheles subpictus Grassi*. J. Comm. Dis., 14: 1-8.
27. Sukowati, S., (1978). *Species kompleks vektor malaria Anopheles aconitus*. Risalah Kongres Ilmu Pengetahuan Nasional LV., 447-460.
28. Walker, T.J., (1964). *Cryptic species among sound producing ensiferon. Orthoptera (Cryllidae and Tettigodae)*. Quart. Rev. Biol., 39: 345.

